



XIII SIGM

International symposium on
genetics and breeding

ALOCAÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO EM GRUPOS HETERÓTICOS COM BASE NO DESEMPENHO DE HÍBRIDOS TESTCROSSES: TESTADORES DE BASE GENÉTICA AMPLA

XIII International Symposium on Genetics and Breeding, 13ª edição, de 25/10/2022 a 27/10/2022
ISBN dos Anais: 978-65-5465-014-4

SALVADOR; Victória Manhago ¹, BARROS; Jean Márcio de Barros ², UBERTI; Alison ³, RIBEIRO; Flaviane de Oliveira ⁴, PEREIRA; Gabriela dos Santos ⁵, DELIMA; Rodrigo Oliveira DeLima ⁶

RESUMO

O cruzamento entre linhagens de milho de grupos heteróticos distintos geralmente produzem híbridos mais produtivos devido a heterose. Por isso, é de suma importância a alocação de linhagens em grupos heteróticos para direcionar os cruzamentos e tornar mais eficiente o programa de melhoramento. Portanto, o objetivo desse trabalho foi alocar linhagens de milho do programa de melhoramento de milho da UFV, Programa Milho[®], em grupos heteróticos com base no desempenho em cruzamento com testadores de base genética ampla. Assim, 366 híbridos testcrosses (TCs) foram obtidos através do cruzamento entre 183 linhagens de milho com dois testadores de base genética ampla: BR105 e BR106. Os TCs foram avaliados em cinco ambientes durante as safras de 2017/2018 e 2018/2019. O delineamento experimental utilizado foi em blocos aumentados, com repetição de sete testemunhas ao longo dos blocos para estimativa do erro experimental. Cada parcela foi constituída de uma linha com quatro metros, espaçadas em 0,8m. Foram avaliados os seguintes caracteres: dias até o florescimento feminino (FF) e masculino (FM), altura de planta (AP) e espiga (AE) e produtividade de grãos (PG). Os parâmetros genéticos dos TCs foram estimados com emprego da metodologia de modelos mistos via REML/BLUP através do pacote 'ASReml-R'. A abordagem do *Genotype main effect plus Genotype-by-Environment interaction* (GGE) biplot foi utilizada para estimar os efeitos da capacidade de combinação e a eficiência dos testadores utilizados para triagem das linhagens. O efeito das linhagens foi significativo ($p < 0,05$) para todos os caracteres na análise conjunta dos ambientes. Por outro lado, para o efeito da interação linhagem x testador apenas FF não foi significativo ($p > 0,05$). Os TCs mais produtivos cruzados com BR105 foram derivados das linhagens VML118, VML029 e VML030, essas ficaram nas posições 20°, 49° e 9°, respectivamente, para o rank com o testador BR106. Por outro lado, os melhores TCs com o testador BR106 foram obtidos entre o cruzamento das linhagens VML058, VML169 e VML103, os quais apresentaram ranqueamento de 59°, 35° e 18°, respectivamente, para BR105. De acordo com o GGE biplot os testadores foram alocados em setores diferentes, o que indica que BR105 e BR106 discriminam bem as linhagens além de ser possível separar as linhagens em grupos

¹ Universidade Federal de Viçosa, victoria.salvador@ufv.br

² Universidade Federal de Viçosa, jean.marcio@ufv.br

³ Universidade Federal de Viçosa, alison.uberti@ufv.br

⁴ Universidade Federal de Viçosa, flaviane.ribeiro@ufv.br

⁵ Universidade Federal de Viçosa, gabriela.s.pereira@ufv.br

⁶ Universidade Federal de Viçosa, rodrigoodelima@ufv.br

distintos. O ângulo entre os vetores dos testadores foi próximo a 90°, portanto, há baixa relação com o desempenho das linhagens entre os dois testadores. As linhagens do vértice do setor de BR105 foram VML118 e VML029, já para BR106 foi a VML058, sendo essas as linhagens que tiveram melhor desempenho com os respectivos testadores. Com relação a capacidade geral de combinação (CGC), a linhagem VML030 apresentou maior CGC, seguida da VML065, VML118, VML093, VML103 e VML058. Com relação a capacidade específica de combinação (CEC), entre as linhagens de maior CGC, VML058 e VML103 apresentaram maior CEC com BR106 e VML005 e VML029 com BR105. Conclui-se que entre as linhagens de maior CGC VML058, VML169, VML093 e VML103 pertencem ao mesmo grupo heterótico que o testador BR105, e as linhagens VML118, VML029, VML030, e VML005 pertencem ao mesmo grupo heterótico do testador BR106.

PALAVRAS-CHAVE: Zea mays, testcross, melhoramento de milho, GGE biplot